Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 12, No. 3, Fall 2020, p. 361-372

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۲، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۹، ص. ۳۷۲-۳۶۱

مقاله علمی- پژوهشی

# تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی

**یحیی خالقی‌فرد[۱]- محمد رکوعی[۲*]- احمد مقیمی اسفندآبادی[۳]- هادی فرجی آروق[۴]**

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۸/۰۹
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۸/۲۱

## چکیده

منظور کردن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل‌های ارزیابی می‌تواند تفاوت‌های مورد انتظار در ارزش‌های اصلاحی حیوانات که به دلیل نامعلوم بودن والدین تخمین زده نمی‌شود را نشان دهد. هدف از مطالعه حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند ژنتیکی صفات تولیدی (تولید شیر، چربی و پروتئین) گاوهای هلشتاین ایران براساس یک مدل حیوانی بدون در نظر گرفتن (مدل ۱) و با در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی (مدل ۲) بود. بدین منظور از اطلاعات صفات تولیدی گاوهای هلشتاین سه شکم زایش که توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور تا سال ۱۳۹۲ جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. برای حیوانات با پدر و مادر نامعلوم، گروه‌بندی ژنتیکی براساس سال و جنس تولد انجام گرفت. تجزیه و تحلیل برای صفات در دوره‌های شیردهی مختلف با و بدون در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی انجام شده و روند ژنتیکی محاسبه گردید. برای بررسی تغییر در رتبه‌بندی حیوانات در نتیجه در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن استفاده شد. نتایج نشان داد که در نظر گرفتن گروه ژنتیکی در مدل باعث کاهش واریانس ژنتیک افزایشی و وراثت‌پذیری تمامی صفات شد. رتبه‌بندی حیوانات با منظور کردن گروه‌بندی ژنتیکی تغییر کرده و این تغییر برای ۱۰ درصد بهترین نرها نسبت به کل حیوانات، کل نرها و ماده‌ها بیشتر بود. روند ژنتیکی و صحت برآوردهای ارزش اصلاحی بین دو مدل ۱ و ۲ دارای تفاوت معنی‌دار بود. مدل ۲ ارزش‌های اصلاحی با صحت بالاتری و همچنین روند ژنتیکی بیشتری نسبت به مدل ۱ داشت. نتایج نشان داد که افزودن گروه‌بندی ژنتیکی برای داده‌هایی با والدین نامعلوم باعث برآورد دقیق‌تر ارزش اصلاحی می‌شود.

**واژه‌های کلیدی**: روند ژنتیکی، گروه‌بندی ژنتیکی، هلشتاین، همبستگی اسپیرمن.

## مقدمه [۱]

رابطه خویشاوندی معیاری برای بیان میزان شباهت ارزش‌های اصلاحی بین حیوانات است. بنابراین ارزش‌های اصلاحی از روی ارزش فنوتیپی صفات، به کمک رابطه ژنتیکی افزایشی قابل پیش‌بینی است. افزایش حجم اطلاعات مورد استفاده در ارزیابی‌های ژنتیکی و به دنبال آن افزایش تعداد گله‌های وارد شده در ارزیابی از یک سو، و وجود تفاوت در نحوه مدیریت پرورش بین گله‌های مختلف از سوی دیگر، همچنین وجود روند محیطی و ژنتیکی برای صفات مختلف، وضعیت بسیار پیچیده‌ای را در ارزیابی ژنتیکی بوجود می‌آورد. اهمیت ماتریس خویشاوندی در از بین بردن این پیچیدگی و درهم آمیختگی اثرات ژنتیکی و محیطی است (۱۱). عدم وجود اطلاعات کافی در شجره که حاصل از عدم ثبت مشخصات شجره‌ای حیوانات است، مانع از پیش‌بینی صحیح ارزش‌های اصلاحی می‌شود.

هندرسون (۱۰) گروه‌بندی ژنتیکی را جهت پیش‌بینی واقعی‌تری از ارزش‌های اصلاحی، در حالت استفاده از رکوردهای فنوتیپی سال‌های مختلف، پیشنهاد نمود. برای این گروه‌بندی‌ها، سال تولد، سالی که اولین دختر حیوان نر رکورد ایجاد می‌کرد یا سالی که حیوان نر برای تلقیح مورد استفاده قرار می‌گرفت، در نظر گرفته می‌شد. در واقع این گروه‌بندی برای محاسبه روند ژنتیکی در طی سال‌های مختلف در نظر گرفته می‌شد (۲۴). هندرسون با ذکر مزایای استفاده از روابط خویشاوندی در ارزیابی حیوانات نر بیان نمود که اگر مادران حیوان نر نمونه تصادفی از جمعیت باشند و روابط خویشاوندی به صورت کامل مورد استفاده قرار گیرند به گروه‌بندی در ارزیابی‌های ژنتیکی حیوانات

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشگاه زابل.
۲- دانشیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشگاه زابل.
۳- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور.
۴- استادیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، پژوهشکده دام‌های خاص، دانشگاه زابل.
(*- ایمیل نویسنده مسئول: Email:rokouei@uoz.ac.ir)
DOI:10.22067/ijasr.v12i3.76344

نر نیازی نخواهد بود. به بیان دیگر استفاده از روابط خویشاوندی می‌تواند جایگزین گروه‌بندی‌های ژنتیکی باشد (۱۲).

عدم امکان ثبت مشخصات کامل حیواناتی که در طول برنامه‌های اصلاح نژادی به جمعیت اضافه می‌شوند یا عدم ثبت مشخصات کامل حیوانات متولد شده در جمعیت، باعث تشخیص ناصحیح ارتباطات واقعی ژنتیکی بین حیوانات خواهد شد. این حیوانات در تجزیه و تحلیل مدل‌های حیوانی به عنوان حیوانات پایه در نظر گرفته می‌شوند، اما در یک زمان متولد نشده‌اند و این امر می‌تواند بر صحت و دقت ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده اثر گذاشته و برنامه‌های اصلاحی را از مسیر درست منحرف کند. روش استفاده از مدل‌های حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی در دهه ۱۹۸۰ ارائه شد (۲۶ و ۳۶). تحقیقات بعدی نحوه وارد کردن آثار گروه‌های ژنتیکی در مدل‌های همراه با آثار مادری را توضیح داد (۲). در تحقیقات دیگر امکان استفاده از گروه‌های ژنتیکی در تجزیه و تحلیل‌های چند صفتی تفسیر گردید (۴). استفاده از مدل‌های حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی برای رسیدن به دقت مناسب در پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات توصیه شده است (۳، ۶، ۲۱، ۲۴). در تحقیقات مختلفی مزایای استفاده از گروه‌های ژنتیکی ذکر شده و از این روش در ارزیابی ژنتیکی استفاده شده است (۷، ۹، ۱۳، ۱۴، ۱۷، ۲۲، ۳۰، ۳۱، ۳۲).

مناسب بودن مدل‌های با گروه‌های ژنتیکی برای ارزیابی ژنتیکی وزن یکسالگی، افزایش وزن بعد شیرگیری، دور کمر و نمره ماهیچه گاوهای نیلور در برخی تحقیقات گزارش شده است (۲۰ و ۳۰).

اطلاعات شجره‌ای موجود در ایران در اکثر موارد از شاخص کیفیت مناسبی برخوردار نیست. به عنوان مثال در بیشتر موارد متوسط معیار کامل بودن شجره برای گاوهای هلشتاین ایران کمتر از ۰/۷ است (۲۷). برنامه ثبت مشخصات و رکورد برداری به دلیل حجم بالا و گستردگی زیاد در کشور و اجرا با فواصل زمانی متفاوت در استان‌های مختلف شرایطی را به وجود آورده است که حیوانات با پدر و مادر نامشخص در سال‌های مختلف حتی در سال‌های اخیر نیز ثبت شده و در اطلاعات گاوهای هلشتاین ایران وجود دارند. بنابراین ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران با والدین نامشخص ممکن است منجر به اریبی نتایج شود (۲۷) زیرا این حیوانات به عنوان حیوانات پایه در نظر گرفته شده و ممکن است باعث اریبی برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی شود. با استفاده از گروه‌های ژنتیکی در ارزیابی‌های ژنتیکی می‌توان تا حدودی مشکل حاصل از حیوانات با والدین نا معلوم را تصحیح کرد. در همین راستا هدف از انجام تحقیق حاضر، برآورد مولفه‌های واریانس و ارزش‌های اصلاحی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین با و بدون در نظر گرفتن گروه‌های ژنتیکی و مقایسه نتایج آنها با یکدیگر است.

**جدول ۱**- ساختار شجره گاوهای هلشتاین به تفکیک سال تولد

**Table1-** The pedigree structure of holstein cows separated by birth year

| سال تولد<br>Year of birth | تعداد<br>Number | هم‌خون<br>Inbreed | پدر نامعلوم<br>Unknown sire | مادر نامعلوم<br>Unknown dam | پدر و مادر نامعلوم<br>Unknown parent | پدر و مادر معلوم<br>Known parent |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Before 1370 | 129048 | 4440 | 78937 | 84934 | 74295 | 39472 |
| 1370 | 26368 | 2818 | 9618 | 10911 | 7451 | 13290 |
| 1371 | 29845 | 4986 | 10230 | 10432 | 7119 | 16302 |
| 1372 | 32066 | 7414 | 9909 | 8635 | 6241 | 19763 |
| 1373 | 35304 | 10165 | 9400 | 8093 | 5933 | 23744 |
| 1374 | 37851 | 13446 | 9382 | 8007 | 6068 | 26530 |
| 1375 | 40508 | 16753 | 9458 | 8095 | 6281 | 29236 |
| 1376 | 43220 | 19817 | 9527 | 7733 | 6318 | 32278 |
| 1377 | 44844 | 23178 | 8839 | 7517 | 5999 | 34487 |
| 1378 | 48901 | 28591 | 9053 | 7806 | 6281 | 38323 |
| 1379 | 53406 | 31314 | 10300 | 9403 | 7459 | 41162 |
| 1380 | 85469 | 33683 | 10875 | 10873 | 8013 | 44734 |
| 1381 | 60442 | 37866 | 11317 | 11918 | 8567 | 45774 |
| 1382 | 67454 | 42159 | 13103 | 14244 | 9938 | 50045 |
| 1383 | 75314 | 46876 | 14023 | 16631 | 10836 | 55496 |
| 1384 | 81649 | 49665 | 15347 | 18350 | 11438 | 59390 |
| 1385 | 85920 | 54713 | 15145 | 17420 | 11174 | 64529 |
| 1386 | 90868 | 60500 | 13775 | 15619 | 9328 | 70802 |
| 1387 | 101044 | 67514 | 13931 | 15278 | 8760 | 80595 |
| 1388 | 103637 | 73609 | 11350 | 13080 | 7140 | 86347 |
| 1389 | 105369 | 81212 | 7216 | 8922 | 3688 | 92919 |
| 1390 | 100376 | 83239 | 5381 | 5552 | 2152 | 91595 |
| 1391 | 85182 | 75719 | 2793 | 1967 | 613 | 81035 |
| 1392 | 18444 | 17111 | 305 | 144 | 17 | 18012 |
| Total | 1555702 | 886788 | 39214 | 321564 | 231109 | 1155860 |

## مواد و روش‌ها

در این تحقیق، از شجره ۱۵۵۵۷۰۲رأس گاو هلشتاین ایران حاصل ۱۴۶۲۳ گاو نر و ۶۹۷۹۴۰ گاو ماده که توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور از سال ۱۳۶۹ تا اوائل سال ۱۳۹۲ ثبت شده بود، استفاده شد. شجره با استفاده از نرم‌افزار CFC (۲۹) مورد بررسی قرار گرفت. خلاصه اطلاعات مربوط به شجره به تفکیک سال‌های مختلف در جدول ۱ آورده شده است.

صفات تولیدی شامل تولید شیر، چربی و پروتئین تصحیح شده ۳۰۵ روز و دوبار دوشش دوره‌های اول تا سوم شیردهی برای برآورد مولفه‌های واریانس و ارزش‌های اصلاحی استفاده شد. اطلاعات مربوط به گله‌های زیر ۱۰۰ رأس برای تجزیه و تحلیل در نظر گرفته نشده و برای تمام صفات تولیدی، شجره مربوط به حیوانات دارای رکورد با استفاده از نرم‌افزار CFC (۲۹) از شجره کلی استخراج گردید و استفاده شد. جدول ۲ آمار توصیفی صفات تولیدی به تفکیک دوره زایش را نشان می‌دهد.

**جدول ۲**- آمار توصیفی صفات تولیدی و تعداد حیوانات شجره آنها به تفکیک دوره شیردهی

**Table 2**- Descriptive statistics of productive traits and number of their pedigree animals separated by lactation period

| صفت* Trait | دوره شیردهی Lactation period | تعداد Number | میانگین Mean | انحراف معیار Standard Deviation | حداقل Minimum | حداکثر Maximum | تعداد افراد موجود در شجره Number of Pedigree |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| شیر Milk | 1 | 501183 | 7649.14 | 2467.27 | 1500.27 | 18839.29 | 675741 |
| چربی Fat | 1 | 431139 | 239.49 | 85.81 | 7.31 | 724.60 | 615782 |
| پروتئین Protein | 1 | 280235 | 249.03 | 76.81 | 8.50 | 580.28 | 478682 |
| شیر Milk | 2 | 389375 | 8297.79 | 2500.20 | 1700.03 | 20162.80 | 538067 |
| چربی Fat | 2 | 336068 | 259.67 | 99.66 | 14.70 | 898.25 | 490566 |
| پروتئین Protein | 2 | 219459 | 273.36 | 87.23 | 12.21 | 692.23 | 384288 |
| شیر Milk | 3 | 274503 | 8333.93 | 2880.68 | 1800.19 | 19938.89 | 404218 |
| چربی Fat | 3 | 236945 | 262.26 | 102.89 | 14.04 | 943.03 | 366565 |
| پروتئین Protein | 3 | 152236 | 273.40 | 89.51 | 12.44 | 661.47 | 285467 |

* واحد همه صفات کیلوگرم می‌باشد.

* Units of all traits are in kg

گروه‌بندی ژنتیکی حیوانات شجره بر اساس سال تولد و جنس انجام گرفت و از ترکیب سال و جنس تولد گروه‌های ژنتیکی تشکیل شدند. حیواناتی که والدین نامعلوم داشتند بر اساس جنس والد و سال تولد خود حیوان دو گروه ژنتیکی دریافت کرده و حیواناتی که فقط یک والد نامعلوم داشتند نیز فقط یک گروه ژنتیکی دریافت نموده‌اند.

برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و ارزش‌های اصلاحی حیوانات از دو مدل حیوانی تک صفته استفاده شد که شکل ماتریسی آنها به صورت زیر است:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad \text{[مدل ۱]}$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{ZQ}\mathbf{g} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad \text{[مدل ۲]}$$

در دو مدل فوق **y** بردار مشاهدات مربوط به صفات تولید شیر، چربی و پروتئین در سه دوره زایش اول، b بردار آثار ثابت شامل HYS (گله- سال- فصل زایش)، تابعیت خطی و درجه دوم سن حیوان هنگام زایش بر اساس ماه (محدوده سنی برای سه زایش اول به ترتیب بین ۱۸ تا ۴۰، ۳۰ تا ۶۰ و ۴۰ تا ۸۰ ماه منظور گردید) و تابعیت خطی درصد خلوص هلشتاین، a، e و g به ترتیب بردارهای آثار تصادفی ژنتیک افزایشی حیوان، باقی‌مانده و گروه‌های ژنتیکی بر اساس سال تولد و جنس می‌باشد و Z ،X و ZQ به ترتیب ماتریس‌های ارتباط دهنده آثار ثابت، تصادفی و گروه‌های ژنتیکی به مشاهدات است.

برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با توجه به اینکه مؤلفه‌های واریانس برای دو مدل یکسان نبود، بهترین پیش‌بینی نااریب خطی

(BLUP) ارزش اصلاحی دامهل بر اساس مدل اول و بـا اسـتفاده از مؤلفـه‌هـای واریـانس بدسـت آمـده از مـدل دوم تخمـین زده شـد [مدل۱۲]. همچنین بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) ارزش اصلاحی دامها بر اساس مدل دوم و با استفاده از مؤلفـه‌هـای بدسـت آمده از مدل اول تخمین زده شد [مدل۲۱]. سپس صحت ارزش‌های اصلاحی حاصل و روند ژنتیکی صفات، با یکدیگر مورد مقایسه قـرار گرفت. صحت ارزش‌های اصلاحی بـرآورد شـده بـرای دو مـدل بـه صورت زیر محاسبه گردید:

$$r = \sqrt{1 - \frac{SEP^2}{\sigma_a^2}}$$

در معادله بالا، r، SEP و $\sigma_a^2$ به ترتیـب صـحت، خطـای معیـار پیش‌بینی و واریانس ژنتیک افزایشی می‌باشـند (۱۹). بـرای مقایسـه تغییرات رتبه ارزش‌های اصلاحی حیوانـات از همبسـتگی اسـپیرمن و برای مقایسه خطای معیار پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی، از آزمـون t جفت شده استفاده شد. آماده سازی داده‌هـا و محاسـبات آمـاری بـه کمک نرم‌افزار R3.1.1 و تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی به کمک نرم-افزار ASReml 3.1 (۱) انجام شد.

## نتایج و بحث

مؤلفه‌های واریانس برآورد شده بـر اسـاس دو مـدل بـا و بـدون گروه‌های ژنتیکی بـرای صـفات تولیـدی بـه تفکیـل سـه دوره اول شیردهی در جدول ۳ آورده شـده اسـت. مقایسـه واریـانس ژنتیکـی افزایشی بین مدل یک و دو نشان داد کـه بـرای همـه صـفات، وارد نمودن گروه‌های ژنتیکی به تجزیه و تحلیل‌ها باعث کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی شد. همچنین مقایسه خطای معیار مولفـه واریـانس ژنتیکی افزایشی بین دو مدل نشان داد که خطای معیار برآورد شـده برای مدل دوم در تمام موارد کمتر از مدل یک است. از آنجـایی کـه مولفه واریانس ژنتیکی و به تبع آن سایر مولفه‌ها بر اسـاس جمعیـت پایه برآورد می‌شوند و حیواناتی که والدین نـامعلوم دارنـد بـه عنـوان حیوانات پایه در نظر گرفته می‌شوند. اما این حیوانـات اگـر در طـول نسل‌های متمادی وجود داشته باشند تنوع بین آنها که بخشی از تاثیر پیشرفت ژنتیکی است به صورت ناصحیح به عنوان واریانس ژنتیکی در تجزیه تحلیل برآورد شده و مولفه‌هـای ژنتیکـی بیشـتر از مقـدار واقعی برآورد می‌شوند. بنابراین مدل‌های بدون گروه بنـدی ژنتیکـی مولفه‌ی بزرگتری برآورد کرده است. از طرف دیگر، گروه‌بندی ژنتیکی باعث می‌شود حیواناتی که به دلیل سال تولـد یکسـان از یکنـواختی بیشتری برخوردار هستند در یک گروه قرار گیرند و همین امر باعـث کاهش خطای معیار برآورد شده شود.

میزان واریانس باقی‌مانده و فنوتیپی برآورد شده برای مـدل دوم (به استثنای صفت تولید شیر در دوره اول شیردهی) به ترتیب بزرگتر و کوچکتر از مدل اول برآورد شد. خطای معیار مؤلفه واریانس بـاقی-مانده برای صفت تولید شیر متفاوت از صفات تولید چربی و پـروتئین بود به نحوی که برای صفت تولید شیر خطای معیار برآورد شده مدل همراه با گروه‌های ژنتیکی بیشتر از مدل اول بدست آمد در حالی که برای صفات تولید چربی و پـروتئین بـر عکـس بـود. خطـای معیـار واریانس فنوتیپی مدل دوم در تمام موارد کمتر از مدل اول برآورد شد. با وجود برآورد بالای وراثت‌پذیری صفات در دوره‌های مختلف زایش با مدل ۱ نسبت به مدل ۲، میزان خطای معیار وراثـت‌پـذیری در دو مدل برای تمامی صفات یکسان بود.

بالاترین مقدار وراثت‌پذیری برای تولید شیر مربوط به دوره زایش اول و پایین‌ترین آن برای دوره زایـش سـوم بدسـت آمـد. واریـانس ژنتیکی صفات مختلـف در سـه دوره شـیردهی تغییـرات بـه نسـبت محدودی را از خود نشان داد اما واریانس باقیمانده از دوره اول تا سوم برای تمام صفات مورد بررسی افـزایش نشـان داد کـه بیـان کننـده تغییرات غیر ژنتیکی است و باعث پایین بودن میـزان وراثـت‌پـذیری برای دوره زایش سوم شده است. به بیان دیگر تنـوع محیطـی سـهم عمده‌ای از تنوع فنوتیپی صفات تولیدی را در دوره زایش سوم نسبت به دو دوره قبلی تشکیل می‌دهد. کـاهش در وراثـت‌پـذیری صـفات تولیدی در دوره‌های شیردهی دوم و به بعد در تحقیقـات دیگـر نیـز گزارش شده است (۵ و ۳۴). میزان واریانس ژنتیکی برآورد شده برای صفت تولید شیر و چربی در تحقیق حاضر به ترتیب پایین‌تر و بالاتر از مقادیر گزارش شده توسط یعقـوبی و همکـاران (۳۷) بـرای گاوهـای هلشتاین استان آذربایجان شرقی می‌باشد. وراثت‌پذیری تولید شیر در تحقیق حاضر پایین‌تر از مقادیر گزارش شـده توسـط صـاحب هنـر و همکاران (۲۸) و حسین پور و همکاران (۱۵) و نزدیک به برآوردهای دالین و همکاران (۵) بود. میزان وراثت پذیری بـرای تولیـد چربـی و پروتئین در این تحقیق نسبت بـه سـایر بـرآورد هـا بـرای گاوهـای هلشتاین ایران کمتر می‌باشـد (۲۵ و ۲۸). مشـرف و همکـاران (۱۸) وراثت پذیری تولید چربی را در محدوده ۰/۰۶ تا ۰/۱۸ گزارش کردند و نتایج تحقیق حاضر برای تولیـد چربـی در محـدوده گـزارش شـده توسط مشرف و همکاران (۱۸) بود. مقادیر بدست آمده وراثـت‌پـذیری برای تولید پروتئین در تحقیق حاضر در دامنه گـزارش شـده (۰/۰۷-۰/۲۲) (۱۶ و ۱۸) قرار داشت.

بخشی از دلایل پایین‌تر برآورد شدن وراثت‌پذیری صفات در این تحقیق نسبت به سایر تحقیقات می‌تواند به دلیل ساختار داده‌ها و مدل آماری مورد استفاده باشد چرا که وراثت‌پذیری یک صفت در گله‌های مختلف، سطوح تولیدی متفاوت و دوره‌های زمانی خـاص مـی‌توانـد متفاوت باشد. از سوی دیگر اطلاعات نادرست شجره باعث اریـب در برآورد وراثت‌پذیری می‌کند و هر چقدر نقص موجود در شجره بیشـتر باشد به تبع آن میزان اریبی بیشتری مشاهده می‌شود (۸).

**جدول ۳-** مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی (خطای معیار) صفات مختلف به تفکیک مدل با و بدون گروه‌بندی ژنتیکی

**Table 3**- Genetic parameters and components (standard error) of different traits separated by model with and without genetic grouping

| صفت Trait | دوره شیردهی Lactation period | مدل* Model | واریانس ژنتیک افزایشی $\sigma_a^2$ | واریانس باقیمانده $\sigma_e^2$ | واریانس فنوتیپی $\sigma_p^2$ | وراثت‌پذیری $h^2$ |
|---|---|---|---|---|---|---|
| شیر Milk | 1 | 1 | 468110 (11461) | 2410100(9367.8) | 2878200(6973.2) | 0.163(0.004) |
| | 1 | 2 | 463189(11474) | 2409800(9378.1) | 2873000(6965.3) | 0.161(0.004) |
| | 2 | 1 | 471812(16353) | 3565700(14560) | 4037600(10716) | 0.117(0.004) |
| | 2 | 2 | 457549(16343) | 3572300(14577) | 4029800(10693) | 0.114(0.004) |
| | 3 | 1 | 431387(20196) | 4159800(19414) | 4591200(14310) | 0.094(0.004) |
| | 3 | 2 | 412766(20142) | 4170500(19423) | 4584400(14278) | 0.090(0.004) |
| چربی Fat | 1 | 1 | 341.03(11.56) | 2654.30(11.18) | 2995.30(7.55) | 0.114(0.004) |
| | 1 | 2 | 327.97(11.47) | 2661.20(10.15) | 2989.20(7.52) | 0.110(0.004) |
| | 2 | 1 | 345.61(19.24) | 4027.80(18.90) | 4373.41(11.88) | 0.097(0.004) |
| | 2 | 2 | 320.61(18.56) | 4044.90(18.56) | 4365.51(11.83) | 0.073(0.004) |
| | 3 | 1 | 341.09(20.41) | 4608.00(21.39) | 4949.10(16.34) | 0.069(0.004) |
| | 3 | 2 | 322.15(20.12) | 4619.70(21.28) | 4941.90(16.29) | 0.066(0.004) |
| پروتئین Protein | 1 | 1 | 345.11(13.72) | 2456.50(11.91) | 2801.60(8.74) | 0.123(0.004) |
| | 1 | 2 | 330.52(13.62) | 2464.10(11.88) | 2794.60(8.71) | 0.118(0.004) |
| | 2 | 1 | 386.63(19.66) | 3648.50(18.55) | 4035.10(13.85) | 0.096(0.005) |
| | 2 | 2 | 363.87(19.39) | 3661.80(18.45) | 4025.60(13.78) | 0.090(0.005) |
| | 3 | 1 | 364.30(24.96) | 4255.30(24.96) | 4620.20(18.88) | 0.079(0.005) |
| | 3 | 2 | 331.13(23.69) | 4277.60(24.67) | 4608.70(18.78) | 0.072(0.005) |

* مدل ۲ و ۱ به ترتیب با و بدون گروه‌بندی ژنتیکی هستند.

* Model 2 and 1 are with and without genetic grouping, respectively.

در مطالعه اثر گروه‌بندی ژنتیکی بر برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی در یک مدل حیوانی با انتخاب جمعیت پایه گزارش شد که اضافه کردن گروه‌های ژنتیکی در مدل، برآوردهای واریانس ژنتیکی را در جمعیت‌هایی با انتخاب حیوانات پایه کاهش داده و اثر کمتری بر برآوردها در جمعیت انتخاب نشده داشت. همچنین اثر گروه‌بندی ژنتیکی با توجه به مقدار و نوع اطلاعات از دست رفته متفاوت بود و هنگامی که گروه‌بندی ژنتیکی به صورت تصادفی انجام می‌شد بر روی برآوردها اثری مشاهده نشد (۲۳). عدم تاثیر زیاد اضافه کردن گروه ژنتیکی بر روی برآوردهای واریانس ژنتیکی در دو مدل ۱ و ۲ در این تحقیق می‌تواند به دلیل انتخاب محدود در جمعیت مورد مطالعه باشد.

وندرورف و دبوئر (۳۳) گزارش کردند که زمانی که برخی اطلاعات شجره از دست رفته باشد برآوردهای کمتری از واریانس ژنتیک افزایشی را بدست می‌آید و نشان دادند که استفاده از روابط خویشاوندی در میان حیوانات پایه می‌تواند بسیاری از خطاها را در برآورد واریانس ژنتیکی کاهش دهد حتی اگر رکوردهایی که مبنای تصمیم‌های انتخابی هستند در دسترس نباشد. مدل‌هایی با اثرات گروه‌های ژنتیکی در صورتی که حیوانات پایه مربوط به یک نسل نباشد ممکن است بخشی از خطا را در برآوردهای واریانس ژنتیکی تصحیح کند (۳۳).

در مطالعات انجام شده برای مقایسه مدل‌های با و بدون در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی گزارش شده است که منظور کردن اثر گروه‌بندی ژنتیکی باعث افزایش صحت پیش‌بینی شایستگی ژنتیک افزایشی حیوان می‌شود (۹، ۲۳، ۳۰). به هر حال، در تحقیق فامولا و ون‌ولک (۶) گزارش گردید که تعریف مناسب از گروه‌بندی ژنتیکی بستگی به معیار انتخاب برای گروه بندی ژنتیکی داشته و تعریف واحدی از گروه‌های ژنتیکی وجود ندارد.

همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای تعیین میزان تغییر در رتبه حیوانات بین مدل‌های ۱ با ۱۲ همچنین بین مدل‌های ۲ با ۲۱ اختلاف معنی‌داری نداشت. بنابراین مشخص گردید که تغییرات اندکی که در مؤلفه‌های واریانس بین مدل‌های یک و دو وجود داشت، تاثیری در تغییر رتبه‌های حیوانات نداشت. به همین دلیل برای بررسی تاثیر گروه‌های ژنتیکی در تغییر رتبه‌های حیوانات همبستگی رتبه‌ای

اسپیرمن بین مدل ۱ با ۲۱ در حالت‌های مختلف محاسبه گردید که نتایج آن در جداول ۴ و ۵ آورده شده است. چنانچه مشاهده می‌شود همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای صفات تولیدی در دوره‌های مختلف شیردهی برای کل حیوانات، نرها و ماده‌ها و ۱۰ درصد بهترین نرها پایین‌تر از یک بوده و از لحاظ آماری اختلاف همه همبستگی‌ها با یک معنی‌دار است و نشان می‌دهد که رتبه حیوانات با در نظر گرفتن گروه‌های ژنتیکی در مدل تغییر یافت. بالاترین همبستگی بین ارزش-های اصلاحی در دو مدل مختلف بین صفات مربوط به شیردهی اول و صفت تولید چربی زمانیکه گروه ژنتیکی تمام حیوانات در برآودها بودند (۰/۹۶۹) و کمترین مقدار نیز مربوط به صفت تولید چربی در شیردهی دوم و زمانیکه گروه ژنتیکی همه حیوانات منظور شد (۰/۷۸۱) محاسبه گردید. همانطور که در جدول ۳ مشاهده می‌شود بیشترین میزان تغییر در وراثت‌پذیری حاصل از دو مدل، در صفت چربی و در دوره شیردهی دوم می‌باشد که می‌تواند دلیلی بر همبستگی پایین بین ارزش‌های اصلاحی حاصل از دو مدل برای صفت مربوطه باشد. برای کلیه حالات مورد بررسی، با افزایش دوره میزان همبستگی کاهشی یافته و بالاترین میزان کاهش مربوط به صفت چربی در دوره دوم شیردهی نسبت به اول بدست آمد و در شیردهی سوم نسبت به دوره دوم افزایش یافت. همچنین تفاوت معنی‌دار بین دو جنس از لحاظ همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن مشاهده شد و برای نرها میزان همبستگی رتبه‌ای اسپرمن پایین‌تر از ماده‌ها بود که می‌تواند نشان دهنده تغییر بیشتر در رتبه‌بندی نرها در مقایسه با ماده‌ها باشد.

میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای ۸۰ درصد بهترین گاوهای ماده برای صفات مختلف در زایش‌ها و سال‌های تولد متفاوت نیز معنی‌دار بود (به استثنای برخی سال‌ها برای تولید شیر و چربی) (جدول ۵). این نشان می‌دهد که استفاده از مدل با گروه‌بندی ژنتیکی نسبت به مدل با عدم گروه‌بندی ژنتیکی باعث تغییر در رتبه گاوهای ماده در سال‌های تولد مختلف شده است. برای صفات تولیدی میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای دوره شیردهی سوم نسبت به دو دوره اول و دوم در بیشتر سال‌ها پایین‌تر بود و در سال‌های آخر میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بالاتر از سال-های اولیه می‌باشد که نشان‌می‌دهد تغییر در رتبه‌بندی گاوهای ماده برای دوره شیردهی سوم و سال‌های تولید قبلی بیشتر از دو دوره شیردهی اولیه و سال‌های اخیر صورت می‌گیرد. برای سال‌های بعد ۱۳۸۹، مقدار همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن به دلیل عدم وجود داده‌های کافی برای نرم‌افزار قابل برآورد نبود. یکی از دلایل تاثیر کم در نظر گرفتن گروه بندی ژنتیکی بر رتبه‌بندی حیوانات در سال‌های اخیر می‌تواند سطح کامل بودن شجره مطلوبتر حیوانات در سال‌های اخیر در مقایسه با سال-های اولیه باشد.

مطالعات در مورد تغییر رتبه‌بندی حیوانات در نتیجه وارد کردن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل کم بوده و اکثر مطالعات انجام شده در صفات رشد گاو بوده است. تغییر در رتبه‌بندی حیوانات با در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل برای صفات وزن یکسالگی و افزایش وزن بعد شیرگیری گاوهای نیلور گزارش شده است (۳۰).

**جدول ٤**- همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین مدل ۱ با ۲۱ به تفکیک صفات مختلف و احتمال اختلاف با ۱

**Table 4-** Spearman's rank correlation between model 1 and 21 separated by different traits and the probability of difference with 1

| صفت<br>Trait | دوره شیردهی<br>Lactation period | کل حیوانات<br>Total | P[1] | ۱۰ درصد نرها<br>10% male | P | نرها<br>Male | P | ماده‌ها<br>Female | P | *P |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| شیر<br>Milk | 1 | 0.965 | <0.001 | 0.919 | <0.001 | 0.955 | <0.001 | 0.966 | <0.001 | <0.001 |
| | 2 | 0.962 | <0.001 | 0.910 | <0.001 | 0.935 | <0.001 | 0.963 | <0.001 | <0.001 |
| | 3 | 0.961 | <0.001 | 0.887 | <0.001 | 0.936 | <0.001 | 0.961 | <0.001 | <0.001 |
| چربی<br>Fat | 1 | 0.969 | <0.001 | 0.926 | <0.001 | 0.935 | <0.001 | 0.970 | <0.001 | <0.001 |
| | 2 | 0.781 | <0.001 | 0.861 | <0.001 | 0.806 | <0.001 | 0.782 | <0.001 | <0.001 |
| | 3 | 0.931 | <0.001 | 0.885 | <0.001 | 0.929 | <0.001 | 0.932 | <0.001 | <0.009 |
| پروتئین<br>Protein | 1 | 0.968 | <0.001 | 0.911 | <0.001 | 0.925 | <0.001 | 0.969 | <0.001 | <0.001 |
| | 2 | 0.946 | <0.001 | 0.891 | <0.001 | 0.894 | <0.001 | 0.948 | <0.001 | <0.001 |
| | 3 | 0.905 | <0.001 | 0.826 | <0.001 | 0.864 | <0.001 | 0.906 | <0.001 | <0.001 |

P احتمال وجود اختلاف با یک، *P احتمال وجود اختلاف بین دو جنس

P: The probability of a difference with one; $P^*$: The probability of a difference between sexes

**جدول ۵-** همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن هشتاد درصد بهترین گاوهای ماده بین مدل ۱ با ۲۱ به تفکیک صفات، سال تولد و احتمال اختلاف آنها با یک

**Table 5-** Spearman rank correlation for 80% of the best females between Model 1 and 21 separated by birth year and the probability of their difference with one

| سال Year | شیر Milk m | | | | | | چربی Fat | | | | | | پروتئین Protein | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 1[*] | | 2 | | 3 | | 1 | | 2 | | 3 | | 1 | | 2 | | 3 | |
| | 80%F[**] | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P | 80%F | <P |
| 1369 | 0.878 | 0.001 | 0.886 | 0.001 | 0.880 | 0.001 | 0.847 | 0.001 | 0.883 | 0.001 | 0.805 | 0.001 | 0.752 | 0.001 | 0.750 | 0.001 | 0.691 | 0.001 |
| 1370 | 0.953 | 0.001 | 0.965 | 0.001 | 0.914 | 0.001 | 0.883 | 0.001 | 0.900 | 0.001 | 0.858 | 0.001 | 0.832 | 0.001 | 0.682 | 0.001 | 0.631 | 0.001 |
| 1371 | 0.954 | 0.001 | 0.963 | 0.001 | 0.966 | 0.001 | 0.916 | 0.001 | 0.838 | 0.001 | 0.908 | 0.001 | 0.723 | 0.001 | 0.765 | 0.001 | 0.711 | 0.001 |
| 1372 | 0.958 | 0.001 | 0.926 | 0.001 | 0.933 | 0.001 | 0.937 | 0.001 | 0.792 | 0.001 | 0.918 | 0.001 | 0.858 | 0.001 | 0.771 | 0.001 | 0.805 | 0.001 |
| 1373 | 0.970 | 0.001 | 0.944 | 0.001 | 0.940 | 0.001 | 0.953 | 0.001 | 0.807 | 0.001 | 0.903 | 0.001 | 0.821 | 0.001 | 0.787 | 0.001 | 0.813 | 0.001 |
| 1374 | 0.979 | 0.001 | 0.977 | 0.001 | 0.971 | 0.001 | 0.958 | 0.001 | 0.803 | 0.001 | 0.942 | 0.001 | 0.891 | 0.001 | 0.875 | 0.001 | 0.851 | 0.001 |
| 1375 | 0.969 | 0.001 | 0.942 | 0.001 | 0.930 | 0.001 | 0.933 | 0.001 | 0.971 | 0.001 | 0.886 | 0.001 | 0.873 | 0.001 | 0.817 | 0.001 | 0.830 | 0.001 |
| 1376 | 0.985 | 0.001 | 0.961 | 0.001 | 0.956 | 0.001 | 0.978 | 0.001 | 0.944 | 0.001 | 0.921 | 0.001 | 0.926 | 0.001 | 0.839 | 0.001 | 0.803 | 0.001 |
| 1377 | 0.989 | 0.001 | 0.978 | 0.001 | 0.973 | 0.001 | 0.981 | 0.001 | 0.957 | 0.001 | 0.947 | 0.001 | 0.947 | 0.001 | 0.893 | 0.001 | 0.883 | 0.001 |
| 1378 | 0.985 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.966 | 0.001 | 0.985 | 0.001 | 0.992 | ns | 0.929 | 0.001 | 0.947 | 0.001 | 0.896 | 0.001 | 0.850 | 0.001 |
| 1379 | 0.989 | 0.001 | 0.985 | 0.001 | 0.978 | 0.001 | 0.986 | 0.001 | 0.982 | 0.001 | 0.946 | 0.001 | 0.968 | 0.001 | 0.944 | 0.001 | 0.903 | 0.001 |
| 1380 | 0.988 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.983 | 0.001 | 0.967 | 0.001 | 0.959 | 0.001 | 0.973 | 0.001 | 0.965 | 0.001 | 0.925 | 0.001 |
| 1381 | 0.991 | ns | 0.990 | ns | 0.982 | 0.001 | 0.986 | 0.001 | 0.927 | 0.001 | 0.955 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.967 | 0.001 | 0.931 | 0.001 |
| 1382 | 0.989 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.974 | 0.001 | 0.991 | ns | 0.980 | 0.001 | 0.962 | 0.001 | 0.988 | 0.001 | 0.974 | 0.001 | 0.947 | 0.001 |
| 1383 | 0.987 | 0.001 | 0.983 | 0.001 | 0.980 | 0.001 | 0.991 | ns | 0.991 | ns | 0.954 | 0.001 | 0.989 | 0.001 | 0.978 | 0.001 | 0.959 | 0.001 |
| 1384 | 0.984 | 0.001 | 0.985 | 0.001 | 0.972 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.956 | 0.001 | 0.980 | .001 | 0.975 | 0.001 | 0.947 | 0.001 |
| 1385 | 0.982 | 0.001 | 0.982 | 0.001 | 0.977 | 0.001 | 0.985 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.947 | 0.001 | 0.982 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.953 | 0.001 |
| 1386 | 0.980 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.988 | 0.001 | 0.989 | 0.001 | 0.994 | ns | 0.973 | 0.001 | 0.986 | 0.001 | 0.982 | 0.001 | 0.964 | 0.001 |
| 1387 | 0.978 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.981 | 0.001 | 0.980 | 0.001 | 0.993 | ns | 0.966 | 0.001 | 0.981 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.969 | 0.001 |
| 1388 | 0.980 | 0.001 | 0.979 | 0.001 | 0.975 | 0.001 | 0.989 | 0.001 | 0.986 | 0.001 | 0.963 | 0.001 | 0.987 | 0.001 | 0.984 | 0.001 | 0.951 | 0.001 |
| 1389 | 0.977 | 0.001 | 0.983 | 0.001 | - | - | 0.986 | 0.001 | 0.965 | 0.001 | 0.961 | 0.001 | 0.986 | 0.001 | 0.981 | 0.001 | - | - |

[*] اعداد ۱، ۲ و ۳ به ترتیب دوره شیردهی اول، دوم و سوم را نشان می‌دهد.

[**] ۸۰ درصد بهترین ماده‌ها (80%F)؛ P احتمال اختلاف با عدد یک؛ ns غیر معنی‌دار

[*] The numbers 1, 2, and 3 indicate the first, second and third lactation period, respectively.

[**] 80%F: 80% of the best females; P: The probability of difference with one; ns: non- significant

میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای دو مدل ۱ و ۲۱ برای صفات مختلف در زایش‌های مختلف در جدول ۶ نشان داده شده است. میزان صحت برآورد شده برای مدل ۲۱ (مدل دارای گروه‌بندی ژنتیکی) برای کلیه صفات در سه زایش نسبت به مدل ۱ بالاتر بدست آمد و تفاوت بین دو مدل از لحاظ صحت برآوردی معنی‌دار بود. در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل آماری روی روند ژنتیکی صفات نیز تاثیر معنی‌داری گذاشت و میزان روند ژنتیکی برآورد شده برای صفات با مدل ۲۱ بالاتر از مدل ۱ بود (جدول ۷). روند ژنتیکی صفات مربوط به دوره شیردهی اول بیشتر از دوره شیردهی دوم و در دوره شیردهی دوم بیشتر از دوره شیردهی سوم بود و بالاترین روند ژنتیکی برآورد شده مربوط به دوره شیردهی اول بود. با وجود برآورد بالاتر روند ژنتیکی صفات با استفاده از مدل دوم، میزان خطای معیار برآوردها نیز در این مدل بالاتر بود. بنابراین در برآورد روندهای ژنتیکی با مدل با گروه‌بندی ژنتیکی، دقت برآورد روندها افزایش نیافته است.

**جدول ٦**- میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با دو مدل ۱ و ۲۱ و احتمال اختلاف بین آن‌ها

**Table 6**- Mean accuracy of estimated breeding values with model 1 and 21, and the probability of the difference between them

| صفت<br>Trait | دوره شیردهی<br>Lactation period | مدل ۱<br>Model 1 | مدل ۲۱<br>Model 21 | P-value |
|---|---|---|---|---|
| شیر<br>Milk | 1 | 0.527 | 0.542 | <0.001 |
| | 2 | 0.520 | 0.521 | 0.014 |
| | 3 | 0.478 | 0.478 | 0.09 |
| چربی<br>Fat | 1 | 0.525 | 0.528 | <0.001 |
| | 2 | 0.443 | 0.455 | <0.001 |
| | 3 | 0.455 | 0.462 | <0.001 |
| پروتئین<br>Protein | 1 | 0.514 | 0.526 | <0.001 |
| | 2 | 0.479 | 0.497 | <0.001 |
| | 3 | 0.462 | 0.501 | <0.001 |

**جدول ۷**- روند ژنتیکی (خطای معیار) صفات مختلف بر اساس مدل ۱ و ۲۱ و احتمال وجود اختلاف بین آن‌ها

**Table 7**- Genetic trend (standard error) of different traits based on model 1 and 21, and the probability of the difference between them

| صفت<br>Trait | دوره شیردهی<br>Lactation period | مدل ۱<br>Model 1 | مدل ۲۱<br>Model 21 | P-value |
|---|---|---|---|---|
| شیر<br>Milk | 1 | 43.65 (1.904) | 63.06 (2.006) | <0.001 |
| | 2 | 42.14 (2.620) | 59.60 (2.920) | <0.001 |
| | 3 | 32.18 (1.960) | 44.64 (2.440) | <0.001 |
| چربی<br>Fat | 1 | 0.994 (0.045) | 1.346 (0.048) | <0.001 |
| | 2 | 0.745 (0.056) | 1.095 (0.059) | <0.001 |
| | 3 | 0.695 (0.047) | 0.943 (0.058) | <0.001 |
| پروتئین<br>Protein | 1 | 1.194 (0.063) | 1.542 (0.065) | <0.001 |
| | 2 | 1.181 (0.089) | 1.514 (0.101) | 0.012 |
| | 3 | 0.843 (0.68) | 1.035 (0.081) | 0.043 |

میزان روند ژنتیکی گزارش شده برای تولید شیر، چربی و پروتئین در گاوهای هلشتاین ایران در تحقیقات مختلف به ترتیب در دامنه ۳۳/۸۴- ۳۵/۴۴، ۰/۶۴- ۰/۷۱ و ۰/۹۵-۱ کیلوگرم به ازای هر سال می‌باشد و روندهای ژنتیکی بدست آمده در این تحقیق نسبت به دامنه گزارش شده در تحقیقات دیگر بالاتر بود (۲۵ و ۲۸). روند ژنتیکی برای تولید شیر، چربی و پروتئین در تحقیق ولیر و ازرا (۳۵) به ترتیب ۵۳/۷، ۲ و ۲/۱۵ کیلوگرم گزارش شد که برای تولید شیر پایین‌تر از نتایج تحقیق حاضر و برای تولید چربی و پروتئین بالاتر می‌باشد. تفاوت در مقادیر روندهای ژنتیکی بدست آمده در صفات مذکور در گله‌های مختلف بستگی به عوامل مختلفی نظیر متفاوت بودن ساختار ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه، دوره‌های زمانی مختلف برای ارزیابی گله‌ها، فشار انتخاب و برنامه‌های اصلاح نژادی بکار رفته در جمعیت-های مختلف می‌باشد.

میزان روند ژنتیکی برآورد شده برای صفات وزن یکسالگی و افزایش وزن بعد از شیرگیری در مدل با گروه‌بندی ژنتیکی براساس سال تولد بالاتر از مدل بدون گروه‌بندی ژنتیکی گزارش شد (۳۰). حذف داده‌های عملکردی حیوانات با والدین نامعلوم از تجزیه وتحلیل‌ها در مقایسه با مدل‌های با گروه‌بندی ژنتیکی باعث کاهش

۲۴ درصد پاسخ به انتخاب می‌شود و این کاهش پاسخ به انتخاب می‌تواند باعث کاهش روند ژنتیکی محاسبه شده برای حیوانات گردد (۳۱).

## نتیجه‌گیری کلی

صفات تولیدی (تولید شیر، چربی و پروتئین) با و بدون در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت و نتایج نشان داد که در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل باعث کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی شده و میزان وراثت‌پذیری برآورد شده در مدل فاقد گروه‌بندی ژنتیکی بالاتر از مدل دوم بود. همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن نشان داد که با وارد کردن گروه‌های ژنتیکی در مدل، رتبه‌بندی دام‌های نر و ماده تغییر کرده و این تغییر در رتبه حیوانات برای نرها بیشتر از ماده‌ها بود. صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی و میزان روند ژنتیکی صفات در مدلی که دارای گروه‌بندی ژنتیکی بود بالاتر از مدل فاقد گروه‌بندی ژنتیکی بدست آمد. شایان ذکر است در صورتی که علاوه بر ارزش اصلاحی، دقت ارزش اصلاحی برآورد شده نیز به عنوان معیار تصمیم‌گیری برای انتخاب حیوانات برتر مورد توجه قرار گیرد، تاثیر استفاده از گروه‌بندی ژنتیکی بیشتر خواهد گردید. بنابراین جهت برآورد دقیق‌تر ارزش‌های اصلاحی و ارزیابی بهتر عملکرد برنامه‌های اصلاحی، گروه‌بندی ژنتیکی برای حیوانات با والدین نامعلوم و وارد کردن آن در مدل تجزیه و تحلیل صفات تولیدی گاوهای هلشتاین کشور ضروری به نظر می‌رسد.

## منابع


1- Butler, D. G., B. R. Cullis, A. R. Gilmour, and B. J. Gogel. 2009. ASReml-R reference manual. The State of Queensland, Department of Primary Industries and Fisheries, Brisbane. Available at http:// discoveryfoundation.org.uk/downloads/asreml/release3/asreml-R.pdf.

2- Cantet, R. J., L. R. Schaeffer, and C. Smith. 1992. Reduced animal model with differential genetic grouping for direct and maternal effects. Journal of Animal Science, 70(6):1730-1741.

3- Casellas, J., J. Piedrafta, and L. Varona. 2007. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: A case study using weaning weight in Bruna dels Pirineus beef cattle. Genetic Selection Evolution, 39:39–53.

4- Da, Y., and M. Grossman. 1991. Multitrait animal model with genetic groups1. Journal of Dairy Science, 74(9):3183-3195.

5- Dahlin, A., U. N. Khan, A. H. Zafar, M. Saleem, M. A. Chaudhry, and J. Philipsson. 1998. Genetic and environmental causes of variation in milk production traits of Sahiwal cattle in Pakistan. Animal Science, 66(2): 307-318.

6- Famula, T., and L. Van Vleck. 1982. Monte Carlo study of genetic groups in sire evaluation. Journal of Dairy Science, 65:1286–1293.

7- Florence, P., and D. Lalon. 2004. Should genetic groups be fitted in BLUP evaluation? Practical answer for the French AI beef sire evaluation. Genetic Selection Evolution, 36(3):325-345.

8- Geldermann, H., U. Pieper, and W. E. Weber. 1986. Effect of misiden-tification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. Journal of Animal Science, 63:1759–1768.

9- Golden, B. L., R. M. Bourdon, and W. M. Snelling. 1994. Additive genetic groups for animals evaluated in more than one breed association national cattle evaluation. Journal of Animal Science, 72(10):2559-2567.

10- Henderson, C. R. 1949. Estimation of changes in herd environment. Journal of Dairy Science, 32: 709 (Abstr).

11- Henderson, C. R. 1975a. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. Journal of Dairy Science, 58(12):1910-1916.

12- Henderson, C. R. 1975b. Use of relationships among sires to increase accuracy of sire evaluation. Journal of Dairy Science, 58(11):1731-1738.

13- Hickey, J. M., M. G. Keane, D. A. Kenny, A. R. Cromie, and R. F. Veerkamp. 2007. Genetic parameters for EUROP carcass traits within different groups of cattle in Ireland. Journal of Animal Science, 85(2):314-321.

14- Hickey, J. M., M. G. Keane, D. A. Kenny, A. R. Cromie, H. A. Mulder, and R. F. Veerkamp. 2008. Estimation of accuracy and bias in genetic evaluations with genetic groups using sampling. Journal of Animal Science, 86(5):1047-1056.

15- Hosseinpour Mashhadi, M., M. R. Nassiri, N. Emam Jomeh Kashan, and R. Vaez Torshizi. 2007. Prediction breeding value and genetic parameter in Iranian Holstein bulls for milk production traits. Pakistan Journal of Biological Sciences, 11 (3): 108-112.

16- Jafari Torbaghan, M., H. Farhangfar, M. Bashtani, B. Mohammad Nazari, and H. Sarir. 2012. Genetic evaluation of cows for milk protein yield trait using fixed and random regression test day models. Animal Production Research, 1(2): 9-20.

17- Joaquim, C., J. Piedrafita, and L. Varona. 2007. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: A case study using weaning weight in Bruna dels Pirineus beef cattle. Genetic Selection Evolution, 39(1):39-53.

18- Mosharraf, R., J. Shodja, M. Bohlouli, S. Alijani, and S. A. Rafat. 2014. Estimation of (co) variance components and breeding values for test-day milk production traits of Holstein dairy cattle via Bayesian approach. Biotechnology in Animal Husbandry, 30: (1): 15-28.

19- Mrode, R. A., and R. Thompson. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. 2nd ed. CABI Pub.

20- Oliveira Júnior, G. A., J. P. Eler, J. B. S. Ferraz, J. Petrini, E. C. Mattos, and G. B. Mourão. 2013. Prediction of breeding values in beef cattle using different defnitions of additive genetic groups. Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal, 14: 277–286.

21- Petrini, J., S. F. N. Pertile, J. P. Eler, J. B. S. Ferraz, E. C. Mattos, L. G. G. Figueiredo, and G. B. Mourão. 2015. Genetic grouping strategies in selection efficiency of composite beef cattle (Bos taurus× Bos indicus). Journal of Animal Science, 93(2): 541-552.

22- Phocas, F., and D. Laloë. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. Livestock Production Science, 89:121–128.

23- Piermati, C., and L. D. Van Vleck. 1993. Effect of genetic groups on estimates additive genetic variance. Journal of Animal Science, 71(1): 66-70.

24- Pollak, E. J., and R. L. Quaas. 1983. Definition of group effects in sire evaluation models. Journal of Dairy Science, 66(7):1503-1509.

25- Razm kabir, M., A. Nejati Javaremi, M. Moradi Shahr Babak, A. Rashidi, and M. Sayadnejad. 2009. Estimation of genetic trend for production traits of Holstein cattle in Iran. Iranian Journal of Animal Science, 40(1):7-11 [In Persian].

26- Robinson, G. K. 1986. Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values. Journal of Dairy Science, 69(12):3106-3111.

27- Rokouei, M., R. Vaez Torshizi, M. Moradi Shahrbabak, M. Sargolzaei, and A. C. Srensen. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. Journal of Dairy Science, 93(7): 3294-3302.

28- Saheb Honar, M.; M. Moradi Shahr Babak, S. R. Miraei Ashtiani, and M. Bagher Sayad Nezhad. 2010. An Estimation of genetic trend for production traits and a determination of the impact of some factors on it in Iranian Holstein cattle. Iranian Journal of Animal Science, 41(2):173-184 [In Persian].

29- Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J. J. Colleau. 2006. CFC: A tool for monitoring geneic diversity. In 8th World Congress on Geneics Applied to Livestock Producion, Belo Horizonte, Brazil.

30- Shiotsuki, L., F. F. Cardoso, J. A. Silva, and L. G. Albuquerque. 2013. Comparison of a genetic group and unknown paternity models for growth traits in Nellore cattle. Journal of Animal Science, 91(11):5135-5143.

31- Sullivan, P. 1995. Alternatives for genetic evaluation with uncertain parentage. Canadian Journal of Animal Science, 75:31–36.

32- Theron, H., F. Kanfer, and L. Rautenbach. 2002. The effect of phantom parent groups on genetic trend estimation. South African Journal of Animal Science, 32:130–135.

33- Van der Werf, J. H., and I. J. de Boer. 1990. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. Journal of Animal Science, 68(10): 3124-3132.

34- Visscher, P. M., and R. Thompson. 1992. Univariate and multivariate parameter estimates for milk production traits using an animal model. I. Description and results of REML analyses. Genetics Selection Evolution, 24(5): 415 (Abstr).

35- Weller, J. I., and E. Ezra. 2004. Genetic analysis of the Israeli Holstein dairy cattle population for production and nonproduction traits with a multitrait animal model. Journal of Dairy Science, 87(5): 1519-1527.

36- Westell, R. A., R. L. Quaas, and L. D. Van Vleck. 1988. Genetic groups in an animal model. Journal of Dairy Science, 71(5):1310-1318.

37- Yaeghoobi, R., A. Doosti, A. M. Noorian, and A. M. Bahrami. 2011. Genetic parameters and trends of milk and fat yield in Holstein, s dairy cattle of West provinces of Iran. International Journal of Dairy Science, 6: 142-149.

Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 12, No. 3, Fall 2020, p. 361-372

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۲، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۹، ص. ۳۷۲-۳۶۱

# Genetic Analysis of Production Traits in Iranian Holstein Cows Considering Genetic Grouping

**Y. Khaleghi fard[1]- M. Rokouei[2*]- A. Moghimi Esfand Abadi[3]- H. Faraji-Arough[4]**
Submitted: 31-10-2018
Accepted: 12-11-2019

**Introduction:** The lack of sufficient information in the pedigree of the animals prevents the correct estimation of the breeding values. Henderson proposed a genetic grouping for a more realistic estimation of breeding values for phenotypic records in different years. For these groups, the birth year, the year that the first daughter of the male had recorded, or the year that the male animal was used for insemination were used for grouping. In fact, this grouping was considered for calculating the genetic trend over the years. The incomplete recording of the animals in the population will result in the elimination of true genetic relationships between animals. Although, these animals are considered as the base animal in the analysis, but not born at the same time, and can affect the accuracy of estimated breeding values. The available pedigree information in Iran does not have a good quality index. So that the average of pedigree completeness criterion for Iranian Holstein cows has been reported less than 0.7. Genetic evaluation of Iranian Holstein cows with unknown parents may cause a bias in estimating genetic parameters and breeding values. The use of genetic groups in genetic analysis can partly correct the problem of animals with unknown parents. In this regard, the purpose of this study was to estimate the genetic parameters and breeding values of the production traits (milk, fat, protein) of Iranian Holstein cows with and without genetic grouping in model.

**Materials and Methods:** In this study, the pedigree of 1555702 heads of the Iranian Holstein cattle from 14623 sires and 697940 dams that collected by Animal breeding center of Iran till 2013, were used. Production traits, including milk, fat and protein corrected for 305 days and twice milking from first to third lactation periods were used to estimate variance components and breeding values. Herds under 100 heads were not considered for analysis and for all production traits; pedigree related to animals with the record was extracted from the general pedigree using CFC software and used. For animals with unknown parents, genetic grouping was performed based on the sex and the birth year. Traits at different lactation periods analyzed with (model 2) and without (model 1) genetic grouping in the model and genetic trend was calculated. Then the accuracy of breeding values and genetic trend of traits obtained from different models were compared with each other. The Spearman rank correlation was used to investigate the change in animal ranking in a result of considering the genetic grouping.

**Results and Discussion:** The additive genetic variance and their standard error were lower for milk, fat and protein production traits in model with genetic grouping (model 21) than the model without genetic grouping (model 1). The estimated heritability range for milk, fat and protein production in three lactation periods with model 1 was 0.094-0.162, 0.069-0.114, and 0.079-0.123, respectively, that these values were higher than model 21 in terms of magnitude. Spearman rank correlation between the estimated breeding values with model 1 and 21 was significantly different from 1, indicating a change in animal rank with consideration of genetic grouping in the model. The spearman rank correlation was lower for males than females, suggesting a higher change in male animal's rank than females. The average accuracy estimated breeding values with model 21 was higher than model 1 and the average accuracy difference was significant between two models. The genetic trend in the first, second and third lactation periods with the model 21 was estimated 63.06, 59.60 and 44.64 for milk production, 1.346, 1.095 and 0.943 for fat and 1.542, 1. 514 and 1.035 kg per year for protein, which were higher than the estimates of model 1.

1- MSc graduated of Genetics and Animal Breeding, Department of Animal Science, University of Zabol.
2-Associate Professor of Genetics and Animal Breeding, Department of Animal Science and Bioinformatics, University of Zabol.
3-Senior Expert of the Animal Breeding Center of Iran, karaj.
4-Assistant Professor of Genetics and Animal Breeding, Research Center of special domestic animal, University of Zabol.
(*- Corresponding Author Email: rokouei@uoz.ac.ir)
DOI:10.22067/ijasr.v12i3.76344

**Conclusion:** The results showed that consideration of genetic grouping in the model reduced the additive genetic variances of traits and the heritability estimated were higher without consideration of genetic grouping. The significance of the Spearman rank correlation indicates that the rank of males and females changed by inserting genetic groups into the model and change in the animal's rank for males was higher than females. The high accuracy of estimated breeding values and the genetic trends of traits in the model with genetic grouping suggests that genetic grouping for animals with unknown parents has been done and entered into the model in order to more accurately estimate the breeding values and to better reflect the performance of the breeding programs.

**Keywords**: Genetic grouping, Genetic trend, Holstein, Spearman correlation.